

Fig. 1

A. t. 6 SAPGKVLMTGGYLVLEKPNAGLVLTSTNARFYAIVKPIINEEVKPSWAWKW 55
 ||||| | : ||||| : | . . || : | :
 S. c. 8 SAPGKALLAGGYLVLDTKYEAFFVGLSARMHAVAHPYGLQGSDFK... 53

 56 TDVKLTSPQL.SRESMYKLSLNHLTLQSVSASDSRNPFFVEHAIQYAIAAA 104
 :|: . | | : | : | : || : ||| : | | |
 54 .EVRVKSKQFKDGEWLYHISPKSGFI.PVSIGGSKNPFIEKVI..ANVFS 99

 105 HLA TEKD KESLHKLLQGLDITILGSNDFYSYRNQIESAGLPLTPESLGT 154
 : | . | | | : | : || | . | . | : | |
 100 YFKPNMDDYCNRNLFV..IDIF...SDD..AYHSQEDS.....VTEHRG. 136

 155 LAPFASITFNAAESNGANSKPEVAKTGLGSSAAMTTAVVAALLHYLGVD 204
 | | || ||||| | : | | : | |
 137NRRLSFHSHRIEEVPKTLGSSAGLVTLTALASFF.VSD 176

 205 LSDPCKEGKFGCSDDLVIHMQTSHCLAQGVKSGFDVSCAVYGSQRYV 254
 . . . : ||| : || . || ||||| : ||||| . ||| ||
 177 LENNVDKYR.....EVIHNLAQVAHCQAQKGKSGFDVAAARYGSIRYR 220

 255 RFSPEVLSFAQVAVTGLPLNEVIGITILGKWDNKRTEFSLPPLMNFLGE 304
 || | . : | | . | | : | : : | :
 221 RFPPALISNLPDIGSATYGSKLAHLVDEEDWNITIKSNHLP SGLTLWMGD 270

 305 PGSGGSSTPSMVGAVKKWQMSDPEKARENWQNLSDANLEETKLNDSLKL 354
 || | : | | | | . . . : | | | . | : |
 271 I.KNGSETVKLVQVKWYDSHMPESLKIYTEL DHANSRFMDGLSKLDRL 319

 355 AKDHWVDYLRVIKSC..SVLTSEKWLHATEPINEAIKELLEAREAMLR 402
 . | | . : . | . | : : . | : | : |
 320 HETHDDYSDQIFESLERNDCTCQKY.....PEITEVRDAVAT 356

 403 IRILMRQMGEAASVPIEPESQTQLLDSTMSAEGVLLAGVPGAGGFDAIFA 452
 || | || | || | . . || | : ||||| : ||
 357 IRRSFRKITKESGADIEPPVQTSLLDDCQTLKGVLTCLIPGAGGYDAIAV 406

 453 ITLGD 457
 || |
 407 ITKQD 411